



## DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITE DE COOPERATION EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

<b>(51) Classification internationale des brevets <sup>6</sup>:</b> <b>C07K 14/415, C12N 15/29, 15/82, 15/10, A01H 5/00</b>	<b>A2</b>	<b>(11) Numéro de publication internationale: WO 99/64451</b> <b>(43) Date de publication internationale: 16 décembre 1999 (16.12.99)</b>
<b>(21) Numéro de la demande internationale:</b> PCT/FR99/01342 <b>(22) Date de dépôt international:</b> 8 juin 1999 (08.06.99) <b>(30) Données relatives à la priorité:</b> 98/07174 8 juin 1998 (08.06.98) FR <b>(71) Déposant (pour tous les Etats désignés sauf US):</b> CENTRE NATIONAL DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE (CNRS) [FR/FR]; 3, rue Michel-Ange, F-75794 Paris Cedex 16 (FR). <b>(72) Inventeurs; et</b> <b>(75) Inventeurs/Déposants (US seulement):</b> KONDOROSI, Eva [HU/FR]; 10, allée de la Dame Alips, F-91190 Gif sur Yvette (FR). CEBOLLA, Angel [ES/FR]; 15, rue Juliette Adam, F-91190 Gif sur Yvette (FR). KONDOROSI, Adam [HU/FR]; 10, allée de la Dame Alips, F-91190 Gif sur Yvette (FR). <b>(74) Mandataires:</b> VIALLE-PRESLES, Marie-José etc.; Cabinet Ores, 6, avenue de Messine, F-75008 Paris (FR).		<b>(81) Etats désignés:</b> AE, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, CA, CH, CN, CU, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MD, MG, MK, MN, MW, MX, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW, brevet ARIPO (GH, GM, KE, LS, MW, SD, SL, SZ, UG, ZW), brevet eurasien (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), brevet européen (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE), brevet OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).  <b>Publiée</b> <i>Sans rapport de recherche internationale, sera republiée dès réception de ce rapport.</i>
<b>(54) Title:</b> PLANT PROTEIN WITH REPEATED WD40 MOTIFS, NUCLEIC ACID CODING FOR SAID PROTEIN, AND USES THEREOF <b>(54) Titre:</b> PROTEINE VEGETALE A MOTIFS WD40 REPETES, ACIDE NUCLEIQUE CODANT POUR LADITE PROTEINE, ET LEURS APPLICATIONS <b>(57) Abstract</b> The invention concerns a plant protein with repeated WD40 motifs, characterised in that it belongs to the FZR sub-family, a purified nucleic acid fragment characterised in that it comprises all or part of a sequence coding for said plant protein and the uses of said protein and said nucleic acid fragment. <b>(57) Abrégé</b> Protéine végétale à motifs WD40 répétés, caractérisée en ce qu'elle appartient à la sous-famille FZR; fragment d'acide nucléique purifié caractérisé en ce qu'il comprend tout ou partie d'une séquence codant pour ladite protéine végétale; utilisations de ladite protéine et dudit fragment d'acide nucléique.		

BEST AVAILABLE COPY

# UNIQUEMENT A TITRE D'INFORMATION

Codes utilisés pour identifier les Etats parties au PCT, sur les pages de couverture des brochures publiant des demandes internationales en vertu du PCT.

AL	Albanie	ES	Espagne	LS	Lesotho	SI	Slovénie
AM	Arménie	FI	Finlande	LT	Lituanie	SK	Slovaquie
AT	Autriche	FR	France	LU	Luxembourg	SN	Sénégal
AU	Australie	GA	Gabon	LV	Lettonie	SZ	Swaziland
AZ	Azerbaïdjan	GB	Royaume-Uni	MC	Monaco	TD	Tchad
BA	Bosnie-Herzégovine	GE	Géorgie	MD	République de Moldova	TG	Togo
BB	Barbade	GH	Ghana	MG	Madagascar	TJ	Tadjikistan
BE	Belgique	GN	Guinée	MK	Ex-République yougoslave de Macédoine	TM	Turkménistan
BF	Burkina Faso	GR	Grèce	ML	Mali	TR	Turquie
BG	Bulgarie	HU	Hongrie	MN	Mongolie	TT	Trinité-et-Tobago
BJ	Bénin	IE	Irlande	MR	Mauritanie	UA	Ukraine
BR	Brésil	IL	Israël	MW	Malawi	UG	Ouganda
BY	Bélarus	IS	Islande	MX	Mexique	US	Etats-Unis d'Amérique
CA	Canada	IT	Italie	NE	Niger	UZ	Ouzbékistan
CF	République centrafricaine	JP	Japon	NL	Pays-Bas	VN	Viet Nam
CG	Congo	KE	Kenya	NO	Norvège	YU	Yougoslavie
CH	Suisse	KG	Kirghizistan	NZ	Nouvelle-Zélande	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	République populaire démocratique de Corée	PL	Pologne		
CM	Cameroon	KR	République de Corée	PT	Portugal		
CN	Chine	KZ	Kazakhstan	RO	Roumanie		
CU	Cuba	LC	Sainte-Lucie	RU	Fédération de Russie		
CZ	République tchèque	LI	Liechtenstein	SD	Soudan		
DE	Allemagne	LK	Sri Lanka	SE	Suède		
DK	Danemark	LR	Libéria	SG	Singapour		
EE	Estonie						

PROTEINE VEGETALE A MOTIFS WD40 REPETES, ACIDE NUCLEIQUE  
CODANT POUR LADITE PROTEINE, ET LEURS APPLICATIONS

L'invention est relative au clonage de gènes intervenant dans la régulation de la division cellulaire  
5 chez les végétaux, et à leurs utilisations.

La plupart des organes végétaux se développent après la germination, par différenciation à partir des méristèmes. Préalablement à la différenciation, se produisent dans les méristèmes le ralentissement puis  
10 l'arrêt du cycle de division cellulaire. Simultanément, on observe fréquemment une augmentation de la taille des cellules, et une répllication du génome non accompagnée de mitose, dénommée « endoréplication ». L'endoréplication est un phénomène bien connu lors du développement de  
15 tissus de réserve ; KOWLES [Genome, 35, pp. 68-77, (1992)] mentionne ainsi une ploïdie de 6C à 384C lors du développement de l'endosperme chez le maïs.

Les phénomènes intervenant lors de l'arrêt de la division cellulaire précédant la différenciation  
20 jouent un rôle essentiel dans le développement et l'ontogénèse végétale. Les mécanismes impliqués dans ces phénomènes sont encore mal connus ; il semble que l'inhibition du facteur promoteur de la phase M, et l'induction des protéine-kinases de la phase S (GRAFI, Science, 269, pp. 1262-1264, (1995)] seraient impliqués.  
25 Toutefois, on n'a jusqu'à présent identifié aucun facteur directement impliqué dans ce mécanisme chez les plantes.

Les Inventeurs ont entrepris l'étude de ce mécanisme, dans le but de découvrir des moyens de le  
30 contrôler, et d'agir par son intermédiaire sur le développement et l'ontogénèse végétale.

Ils ont choisi comme modèle d'étude le système symbiotique *Rhizobium*/légumineuses. Dans ce système, les facteurs Nod de nature lipooligosaccharidique, produits  
35 par les *Rhizobium*, constituent des signaux mitogènes qui induisent localement la formation d'un nouveau méristème,

à partir duquel se différencient les cellules formant les nodosités racinaires [TRUCHET, Nature, 351, pp. 670-673, (1991) ; YANG, Plant Cell, 6, pp. 1415-1426, (1994) ; SAVOURE, EMBO.J., 13, pp. 1093-1102, (1994)]. Les  
5 nodosités comprennent 3 zones principales : une zone apicale, constituée de cellules méristématiques ; une zone intermédiaire d'invasion, ou de différenciation (zone II), où intervient l'infection des cellules par les bactéries, ainsi que l'arrêt de la division cellulaire,  
10 accompagné d'endoréplication et d'augmentation de la taille des cellules, et suivi par leur différenciation ; et une zone de fixation (zone III), formée de cellules différenciées infectées par les bactéries, et où intervient la fixation de l'azote.

15 Au cours de cette étude, les Inventeurs ont isolé, à partir de nodosités de luzerne (*Medicago sativa*), un gène, dénommé ci-après *ccs52*, jouant un rôle essentiel dans l'arrêt du cycle cellulaire et l'induction de l'endoréplication. En utilisant une sonde d'ADNc du  
20 gène *ccs52* de *Medicago sativa* ils ont également isolé un gène homologue chez *Medicago truncatula*.

Les gènes *ccs52* de *Medicago sativa* (*ccs52Ms*), et de *Medicago truncatula* (*ccs52Mt*) codent pour un polypeptide de 475 acides aminés, ayant une masse  
25 moléculaire théorique de 52 kDa. Ces polypeptides sont respectivement dénommés ci-après CCS52Ms et CCS52Mt ; les séquences de CCS52Ms et CCS52Mt ne diffèrent que par 2 résidus en positions 16 (R/G) et 141 (V/I).

Ces 2 protéines comprennent des motifs WD  
30 répétés, et peuvent ainsi être rattachées à la superfamille des protéines à motifs WD répétés.

Les motifs WD répétés comprennent environ 40 aminoacides contenant un certain nombre d'acides aminés conservés dont le motif WD (Trp-Asp) qui se situe  
35 fréquemment à une extrémité du motif répété [NEER et al., Nature, 371, pp. 297-300, (1994)]. Les membres de cette

famille régulent différentes fonctions, telles que la transduction de signal, la transcription, l'épissage de pré-ARNm, l'organisation du cytosquelette, la fusion vésiculaire ou le cycle cellulaire. Bien que la structure générale soit globalement similaire dans toutes les protéines, la grande variété fonctionnelle des motifs WD répétés suggère que ces motifs se sont différenciés et sont devenus fonctionnellement spécialisés. Une homologie fonctionnelle se reflète dans le nombre de motifs WD répétés, par une homologie importante des motifs WD répétés à des positions équivalentes dans différentes protéines, par rapport à d'autres motifs répétés dans les mêmes protéines, et par une similarité significative des extrémités C et N terminales.

La comparaison de la séquence de CCS52Ms avec les séquences de protéines connues, en utilisant le programme GAP de GENETICS COMPUTER GROUP [paramètres : gap weight : 1,000 ; length weight : 0,100 ; average match : 0,540 ; average mismatch : 0,396] a fait apparaître une homologie élevée avec des protéines à motifs WD40 répétés qui interviennent dans la régulation du cycle cellulaire, et plus spécifiquement, avec les protéines FZR de *Drosophila* (57% d'identité), HCT1 de *Saccharomyces cerevisiae* (46% d'identité), et SRW1 de *Schizosaccharomyces pombe* (52% d'identité), qui appartiennent à la famille « fizzy-related » (FZR). Les recherches effectuées dans des bases de données de séquences en utilisant le programme BLAST [ALTSCHUL et al. *Nucleic Acids Res.* 25:3389-3402, (1997)] ont également fait apparaître une homologie importante de CCS52Ms avec les protéines FZR de *Drosophila* (56% d'identité ; 70% de similarité), et SRW1 de *Schizosaccharomyces pombe* (51% d'identité ; 67% de similarité) mentionnées ci-dessus, ainsi qu'avec le produit du gène *fzr* de *X. laevis* (58% d'identité ; 73% de similarité).

Les protéines FZR induisent la dégradation des cyclines mitotiques, et interviennent dans la transition entre la prolifération et la différenciation cellulaire. Il a ainsi été montré chez la *Drosophile* que le gène *fzr* est exprimé en fin de prolifération cellulaire pendant l'embryogénèse. Le produit de ce gène entraîne une diminution des cyclines mitotiques, et est nécessaire pour l'arrêt de la prolifération cellulaire et le début des endocycles [SIGRIST et LEHNER, *Cell*, 90, pp. 671-681, (1997)]. Chez *Saccharomyces cerevisiae*, HCT1 est nécessaire pour la protéolyse de la cycline mitotique, Clb2 [SCHWAB et al., *Cell*, 90, pp. 683-693, (1997)]. Chez *Schizosaccharomyces pombe*, le produit du gène *srw1* contrôle le cycle cellulaire et la différenciation en régulant négativement les complexes Cdc2/CDC13 (cycline de type mitotique) [YAMAGUCHI et al., *Mol. Biol. Cell.*, 8, 2475-2486, (1997)]. Les protéines FZR ont donc un rôle différent de celui des autres protéines à motifs WD répétés, qui interviennent au niveau de la prolifération cellulaire.

Chez les plantes, aucune protéine de la famille FZR n'a été décrite antérieurement à CCS52Ms.

L'existence d'un gène codant pour une protéine à motifs WD40 répétés et son isolement à partir d'ADNc de carotte ont été récemment décrits [LUO et al., *Plant Mol. Biol.*, 34, pp. 325-330, (1997)]. Cependant, le produit de ce gène présente une plus faible homologie (44% d'identité et 63% de similarité sur la comparaison de séquences effectuée avec le programme BLAST) avec la protéine CCS52Ms, que les protéines FZR d'invertébrés et de levure ; cette protéine de carotte est apparentée aux protéines cdc20, p55, et fizzy, et appartient donc à un sous-groupe de protéines à motifs WD40 répétés distinct du sous-groupe FZR.

La recherche d'homologues de CCS52Ms dans une base de données du génome d'*Arabidopsis thaliana* a fait

apparaître une séquence peptidique déduite d'un clone génomique (AB005230) et présentant 64% d'identité avec CCS52Ms, ce qui montre l'existence d'homologues du gène *ccs52Ms* chez d'autres plantes. Une autre séquence peptidique également déduite d'un clone génomique d'*Arabidopsis thaliana* (AL031018, publiée le 17 septembre 1998) présente 80% d'identité avec CCS52Ms (44% d'identité et 63% de similarité sur la comparaison de séquences effectuée avec le programme BLAST).

La figure 1A représente un dendrogramme de la famille des protéines à motifs WD40 répétés, qui montrent que les protéines CCS52 forment avec les autres protéines FZR, une sous-famille représentant une branche qui a évolué séparément de celles respectivement constituées par les protéines CDC20, P55, et fizzy.

Les figures 1B et 1C représentent l'alignement, effectué en utilisant le logiciel « PRETTYBOX », de la séquence CCS52 de *Medicago sativa*, (MsCCS52) et des séquences FZY et FZR de *Drosophila* (DmFZY et DmFZR), HCT1 de *Saccharomyces cerevisiae* (SchHCT1), SRW1 de *Schizosaccharomyces pombe* (SpSRW1), FZY d'*Arabidopsis thaliana* (AtFZY), et des 2 polypeptides d'*Arabidopsis thaliana* (AtCCS52A = peptide déduit de AL031018, et AtCCS52B = peptide déduit de AB005230).

La protéine CCS52Ms contient 7 domaines à motifs WD40 répétés, situés dans les portions centrale et C-terminale de la molécule (l'emplacement de ces domaines numérotés de I à VII, est indiqué sur les figures 1B et 1C, au dessus de l'alignement des séquences). Ces domaines ne présentent que peu d'homologie entre eux, d'où l'on peut conclure qu'ils représentent des sites d'interaction avec des protéines différentes. Le dernier domaine (VII) comprend un site potentiel de liaison pour les cyclines.

Dans la partie N-terminale de la protéine CCS52Ms, sont localisées une séquence peptidique

(DRFIPSR) qui correspond à un motif présent chez les protéines FZR ainsi que chez d'autres protéines à motifs WD40 répétés telles que cdc20, p55 et fizzy, ainsi qu'une séquence peptidique (AYTTLLRTALFG) qui correspond à un motif spécifique de la famille FZR, absent des autres protéines à motifs WD40 répétés (l'emplacement de ces motifs, respectivement dénommés I et II, est indiqué sur la figure 1B au-dessus de l'alignement des séquences).

Des sites potentiels de phosphorylation par des CDK (cyclin dependent kinases ou kinases cyclines-dépendantes), sont localisés dans la portion N-terminale, aux positions 43 (SPSR), 99 (TPEK), 144 (SPVK), 154 (RSP), et 155 (SPYK), ainsi que dans la portion C-terminale à la position 454 (SPK), de CCS52Ms. Les sites situés aux positions 43 et 144 sont également présents chez d'autres protéines FZR, tandis que les sites situés aux positions 99, 154, et 155 paraissent plus spécifique des protéines CCS52 de plantes ; le site C-terminal en position 454 apparaît également spécifique des protéines CCS52 de plantes.

Une séquence de 15 acides aminés RDNSPPPEPSPESLR commençant au résidu 16, et correspondant à un motif de dégradation protéique PEST est également présente dans la portion N-terminale de CCS52Ms. Ce motif permet probablement, par l'intermédiaire de la dégradation de CCS52, de réguler ses interactions avec d'autres protéines.

La structure de la protéine CCS52Ms est schématisée sur la figure 2, sur laquelle sont indiqués la position des motifs WD-40, des sites de phosphorylation (P), du motif PEST, et des motifs I et II.

La séquence de l'ADNc de *Medicago sativa* cloné par les inventeurs est représentée dans la liste de séquences en annexe sous le numéro SEQ ID NO:1 ; la



séquence de la protéine CCS52Ms correspondante est représentée sous le numéro SEQ ID NO:2.

La région 3' non-traduite du transcrit de cet ADN comprend 2 séquences AUUUA, qui correspondent à des  
5 séquences d'instabilité des ARNm, et peuvent donc jouer un rôle pour réguler la quantité de transcrits de *ccs52*.

Les Inventeurs ont recherché la présence d'homologues de *ccs52Ms* par transfert de Southern, chez des espèces diploïdes et tétraploïdes de *Medicago*, ainsi  
10 que chez d'autres plantes, en particulier le tabac, la tomate, la pomme de terre, le soja, le blé et le riz : dans tous les cas plusieurs bandes ont été détectées, ce qui indique que *ccs52* représente bien une famille de gènes végétaux apparentée à la famille *fzr*.

15 Les Inventeurs ont étudié *in vivo* l'activité de la protéine CCS52Ms et ont montré qu'elle intervenait dans la régulation de la différenciation cellulaire, en favorisant l'endoréplication. En particulier, l'expression de la protéine CCS52Ms dans des plantes  
20 transgéniques induit chez celles-ci une augmentation de l'endoréplication et du niveau de ploïdie des cellules des plantes. Cet effet serait la conséquence d'un blocage de la mitose par l'activation de la dégradation des cyclines mitotiques, ce qui entraînerait une conversion  
25 des cycles mitotiques en endocycles constitués des phases G1-S-G2. La répétition des endocycles a pour résultat l'amplification du génome et l'augmentation de la ploïdie, corrélée à une augmentation du volume cellulaire.

30 La présente invention a pour objet une protéine végétale à motifs WD40 répétés, dénommée CCS52, caractérisée en ce qu'elle appartient à la sous-famille FZR.

35 Selon un mode de réalisation préféré de la présente invention ladite protéine végétale présente au moins 45%, et de préférence au moins 55% d'identité avec

le polypeptide de séquence SEQ ID NO:2 ou au moins 60% et de préférence au moins 70 % de similarité avec le polypeptide de séquence SEQ ID NO:2.

La présente invention englobe en particulier  
5 la protéine CCS52Ms, ses isoformes, ainsi que les protéines autologues de *Medicago* et les protéines orthologues d'autres végétaux, pouvant être rattachées à la famille des protéines FZR.

L'invention englobe également des protéines  
10 dérivées des protéines CCS52, par addition, délétion ou substitution d'un ou plusieurs acides aminés ou d'une ou plusieurs séquences d'acides aminés ; il peut s'agir par exemple de protéines dans lesquelles des modifications  
15 ont été apportées en dehors des régions fonctionnelles, ou bien de protéines dans lesquelles des modifications ont été apportées pour modifier leur activité, par exemple de protéines stabilisées par délétion du motif PEST.

La présente invention a également pour objet  
20 un fragment d'acide nucléique purifié, caractérisé en ce qu'il comprend tout ou partie d'une séquence codant pour une protéine CCS52, telle que définie ci-dessus, ou de sa séquence complémentaire. Dans ce cadre, la présente invention englobe en particulier les ADNc et les ADN  
25 génomiques des protéines CCS52.

Des fragments d'acide nucléiques, conformes à l'invention peuvent être aisément identifiés et clonés en criblant des banques d'ADNc ou d'ADN génomique de plantes à l'aide d'oligonucléotides dérivés de la séquence de  
30 *ccs52Ms*, et notamment d'oligonucléotides dérivés des régions de cette séquence spécifiques des protéines FZR, et en particulier des protéines CCS52.

Les protéines CCS52 peuvent être produites, en particulier, en exprimant ces séquences d'acide nucléique  
35 dans des cellules hôtes.

La présente invention a également pour objet l'utilisation d'une protéine CCS52, telle que définie ci-dessus ou d'une séquence d'acide nucléique codant pour tout ou partie de ladite protéine, ou de sa séquence  
5 complémentaire, pour réguler la différenciation et la prolifération de cellules végétales.

La présente invention a également pour objet l'utilisation d'une protéine de la sous-famille FZR ou d'une séquence d'acide nucléique codant pour tout ou  
10 partie de ladite protéine, ou de sa séquence complémentaire, pour réguler la différenciation et la prolifération de cellules végétales.

On peut citer parmi de telles protéines, la protéine FZR de drosophile ou la protéine FZR de levure.

15 La modification de l'expression et/ou de l'activité de protéines CCS52 dans des cellules de plantes permet de modifier le cycle cellulaire, en favorisant soit la prolifération soit la différenciation, et de contrôler ainsi le processus de développement, afin  
20 d'obtenir par exemple une stimulation de l'embryogénèse somatique, d'augmenter la régénération *in vitro* de plantes à partir des cals, en augmentant la conversion en embryons, ou de favoriser le développement de certains organes, par exemple d'augmenter la productivité des  
25 tissus de réserve en augmentant leur endoploïdie.

On peut en particulier utiliser les séquences d'ADNc de protéines CCS52 ou des portions de ces séquences d'ADNc, ou de leur transcrits sens ou antisens ; il peut s'agir par exemple de la totalité  
30 d'une séquence codant pour une protéine CCS52Ms, ou d'une portion de cette séquence codante, et/ou de tout ou partie des régions 5' et 3' non traduites. Ces séquences peuvent être utilisées en orientation sens, ou si l'on souhaite inhiber l'expression de la protéine CCS52Ms dans  
35 une plante ou dans un tissu ou organe de celle-ci, en orientation antisens.

La présente invention englobe également des constructions d'ADN recombinant, contenant au moins une séquence d'acide nucléique conforme à l'invention.

Généralement, ladite séquence d'acide  
5 nucléique sera placée sous contrôle transcriptionnel d'un promoteur approprié.

Avantageusement, on pourra ainsi utiliser un promoteur fort, pour augmenter, dans les cellules hôte, les niveaux d'expression de la protéine CCS52 ; il pourra  
10 s'agir d'un promoteur inductible ou bien d'un promoteur constitutif, d'un promoteur ubiquitaire, ou d'un promoteur tissu-spécifique.

L'utilisation de promoteurs inductibles permet d'obtenir un blocage de la mitose, et l'induction de  
15 l'endoréplication au moment souhaité. L'utilisation de promoteurs tissu-spécifiques permet de cibler l'action de la protéine CCS52 sur certains tissus et organes (par exemple, des tissus de réserve).

A titre d'exemples de promoteurs forts  
20 utilisables dans le cadre de la présente invention, on citera : le promoteur CaMV35S [BENFLY et al, Science, 250, pp. 959-966, (1990)] ; le promoteur 35S ; les promoteurs *Agrobacterium tumefaciens* T-DNA : nopaline synthase, octopine synthase, mannopine synthase, 1', 2'  
25 [SANDERS et al., Nucleic Acid Res., 15, pp. 1543-1558, (1987) ; HOOYKAAS and SCHILPEROORT, Plant. Mol. Biol., 19, pp. 15-38, (1992)].

A titre d'exemples de promoteurs inductibles utilisables dans le cadre de la présente invention, on  
30 citera : le promoteur inductible par la tétracycline [WEINMANN et al., Plant J., 5, pp. 559-569, (1994)] ; le promoteur inductible par le cuivre [METT et al., Transgenic Res., 5, pp. 105-113, (1996)] ; le promoteur inductible par les glucocorticoïdes [AOYAMA et CHUA,  
35 Plant. J., 11, pp. 605-612, (1997)].

A titre d'exemples de promoteurs tissu-spécifiques utilisables dans le cadre de la présente invention, on citera : le promoteur endosperme-spécifique [OPSAHL-FERSTAD et al., Plant J., 12, pp. 235-246, 5 (1997) ; DOAN et al., Plant Mol. Biol., 31, pp. 877-886, (1996) ; les promoteurs nodosités-spécifiques (*enod12A/B* ou leghémoglobine) [TRINH et al., Plant Cell Reports, (17, pp. 345-355, (1998) ; VIJN et al., Plant Mol. Biol., 28, pp. 1103-1110, (1995)] ou bien des promoteurs 10 précoces inductibles par le facteur Nod et des promoteurs tardifs (promoteur de la cycline D ou des nodulines tardives (type leghémoglobine) et promoteurs régulés par des hormones, tels que *paraB* [TAKAHASHI et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 87, pp. 8013-8016, (1990)], *GH3* 15 [LIU et al., Plant Cell, 6, pp. 645-657, (1994)].

L'Invention englobe en particulier des vecteurs recombinants portant au moins un insert contenant un fragment d'ADN conforme à l'invention. Ces vecteurs sont utilisables pour transformer des cellules 20 hôtes.

L'Invention a également pour objet des cellules et des organismes pluricellulaires transformés par au moins une séquence d'acide nucléique conforme à l'invention ; il s'agit en particulier de cellules 25 végétales ou de végétaux.

La présente invention sera mieux comprise à l'aide du complément de description qui va suivre, et se réfère à des exemples non limitatifs illustrant l'identification, le clonage et l'expression du gène 30 CCS52Ms.

#### **EXEMPLE 1 : CLONAGE ET SEQUENCAGE D'UN ADNC DE CCS52MS.**

Un clone d'ADNC de CCS52Ms a été obtenu par criblage différentiel à partir d'une banque d'ADNC de nodosités de *Medicago sativa*, fortement stimulées pendant 35 l'organogénèse nodulaire.

Le protocole suivant a été utilisé :

L'ADNc de *ccs52Ms* de *M. sativa* est isolé par la technique de DD-RT-PCR (Differential Display RT-PCR) [LIANG et PARDEE, Science, 257, pp. 967-971, (1992)], en utilisant les kits RNAimage<sup>®</sup> (GENHUNTER CORPORATION). Les échantillons d'ARN sont isolés à partir de la zone racinaire sensible au facteur Nod de jeunes plants de *M. sativa* (croissance dans un milieu limité en nitrate), en l'absence de bactéries ou inoculés par des souches de *R. meliloti* Nod+ (EK1433) ou Nod- (EK133) pendant 4 jours. Le fragment de DD-RT-PCR *ccs52Ms*, présentant une augmentation de l'expression des nodosités, est cloné dans le vecteur de clonage pCT-TRAP (GENHUNTER CORPORATION) et utilisé comme sonde pour l'isolement des clones complets à partir d'une banque d'ADNc de nodosités de *M. sativa* sp. *varia* A2, construite dans  $\lambda$ -ZAP (STRATAGÈNE) (CRESPI et al., EMBO J., 1994, 13, 5099-5112).

Sept clones d'ADNc, obtenus à partir de  $2.10^5$  phages, représentent 2 types d'ADNc différant l'un de l'autre uniquement au niveau de 4 acides aminés (16R-G, 17D-N, 33S-N, 52R-G) et de la longueur du fragment 3'UTR. Une identité de 99% des clones, au niveau de la séquence en acides aminés, suggère qu'ils représentent des allèles du même gène chez *M. sativa* tétraploïde allogame.

Le séquençage des ADNc de *ccs52Ms* est effectué avec le système ABIprism de PERKIN-ELMER.

Les clones génomiques *ccs52Ms* et *ccs52Mt* sont isolés à partir de banques génomiques de *M. sativa* cv. Nagyszénasi et *M. trucatula* ecotype GHOR, en utilisant l'ADNc de *ccs52Ms* comme sonde d'hybridation. Ces banques génomiques sont construites par digestion partielle de l'ADN génomique avec l'enzyme de restriction MboI et le clonage des fragments d'ADN de taille comprise entre 15 et 20 Kb dans le site BamHI de  $\lambda$ -EMBL4.

**EXEMPLE 2 : IDENTIFICATION DE LA FAMILLE DU GENE CCS52MS  
DANS MEDICAGO ET SON EXPRESSION DANS DIFFERENTS ORGANES  
VEGETAUX.**

L'existence de copies multiples du gène *ccs52*  
5 est recherchée par hybridation de type Southern dans des  
cultivars tétraploïdes de *M. sativa* Nagyszénasi et  
Cardinal et chez *M. truncatula* diploïde autogame, une  
plante modèle dans la recherche sur les légumes.

L'ADN des plantes est isolé à partir des  
10 feuilles jeunes, en utilisant le kit d'extraction NUCLEON  
PHYTOPURE DNA (AMERSHAM).

Les échantillons d'ADN sont digérés par *EcoRI*  
et transférés sur membrane de nylon BIOTRANS (+) (ICN).

L'hybridation de Southern est réalisée  
15 conformément aux protocoles classiques [(SAMBROOK,  
Molecular Cloning: A Laboratory Manual 2nd edn., Cold  
Spring Harbor Laboratory Press, New York, (1989) ;  
AUSUBEL, Current Protocols in Molecular Biology, (1989)],  
dans des conditions stringentes à 65°C (hybridation dans  
20 un tampon CG ; lavage : 2 x SSC, 0,1% SDS pendant 2 fois  
15 mn, puis 0,5 x SSC, 0,1% SDS pendant 2 fois 30 min.).

L'expression de *ccs52Ms* est étudiée par  
analyse de Northern.

L'ARN total est isolé à partir de différents  
25 organes de *M. sativa* cultivar Sitel :

- à partir des racines, inoculées pendant  
4 jours avec le mutant Nod- *R. meliloti* (EK133) et avec  
la souche surproductrice de facteurs Nod (EK1433) ;
- à partir des nodosités, 12, 19, 23 et 30  
30 jours après une infection par *R. meliloti*, et,
- à partir des tiges, des hypocotyles, des  
feuilles, des bourgeons, des fleurs, des racines de  
plants de 3 jours, de 7 jours, des racines privées  
d'azote et ne présentant pas de pointes racinaires, des  
35 racines de 7 jours, sans pointes racinaires, mises en  
culture en présence de nitrate, des nodosités spontanées

développées en l'absence de *R. meliloti*, et des pointes racinaires ou de culture de cellules de *M. sativa* sp. *varia* A2.

100 mg de chacun des organes testés, collectés  
5 sous azote liquide, sont utilisés pour l'extraction de l'ARN (RNEASY PLANT, QUIAGEN).

L'ARN est chargé (10 µg par ligne) sur un gel dénaturant (formaldéhyde) [SAMBROOK, Molecular Cloning: A Laboratory Manual 2nd edn., Cold Spring Harbor Laboratory  
10 Press, New York, (1989)].

Le transfert d'ADN est effectué dans une solution de transfert 10 x SSC [CHOMCZYNSKI et al., Analytical Biochemistry, 221, pp. 303-305, (1994)].

Aussi bien dans le cas de l'hybridation  
15 Southern que dans le cas de l'hybridation Northern, le fragment d'ADNc *ccs52Ms* est marqué avec du [ $\alpha$ -<sup>32</sup>P] dCTP (Kit MEGAPRIM, AMERSHAM). L'hybridation avec la sonde *Msc27* sert de contrôle pour le chargement de l'ARN [SAVOURE et al., EMBO J., 13, pp. 1093-1102, (1994)].

20 Les résultats du transfert de Southern montrent que la sonde s'hybride avec différents fragments *EcoRI* de l'ADN génomique de *M. sativa* ou *M. truncatula*, ce qui indique que *ccs52Ms* représente chez *Medicago*, une famille multigénique.

25 Les résultats du transfert de Northern obtenus avec l'ARN total de racines inoculées avec le mutant Nod<sup>-</sup> EK133 de *R. meliloti*, ou avec la souche EK1433 surproductrice de facteurs Nod et avec l'ARN extrait des nodosités, 12, 19, 23 et 30 jours après infection avec  
30 *R. meliloti* montrent qu'on n'observe dans l'ARN total de racines, qu'une faible quantité de transcrits, ce qui reflète la faible proportion des cellules impliquées dans l'organogénèse des nodosités par rapport au nombre total de cellules des racines. En revanche, dans les nodosités  
35 de différents âges on observe un niveau élevé de



transcription, qui reflète la persistance des méristèmes apicaux et des zones de différenciation.

Les résultats de transfert de Northern obtenus avec les ARN totaux de : 1: culture de cellules de *M. sativa* sp. *varia* A2, 2: tiges, 3: hypocotyles, 4: feuilles, 5: bourgeons floraux, 6: fleurs, 7: racines de pousses de 3 jours, 8: racines de pousses de 7 jours, privées d'azote, dépourvues d'extrémité, 9: pointes racinaires de 7 jours, cultivées en présence de nitrates, 10: dépourvues d'extrémité, 10: nodosités spontanées développées en absence de *R. melioli*, 11: nodosités fixatrices d'azote, 12: extrémités de pointes racinaires, montrent que l'expression du *ccs52Ms* n'est pas limitée aux nodosités, bien que cet organe soit celui qui 15 contienne le niveau de transcrits le plus élevé.

Ces transcrits sont en effet présents en quantités variables pratiquement dans tous les organes, ce qui indique que cette protéine intervient dans le développement de chacun d'entre eux. Mis à part les 20 nodosités, le niveau de transcription est également élevé chez les jeunes pousses, et dans les cultures cellulaires, où l'on détecte en outre un ARNm de plus petite taille qui peut correspondre soit à une polyadénylation différente, soit à l'expression d'une 25 copie homologue du gène.

Des analyses par hybridation *in situ* ont également été effectuées, et montrent que l'ARNm de *ccs52Ms* est localisé principalement dans la zone de différenciation, et en particulier à l'interface entre 30 les zones II et III de la nodosité, qui sont les régions où la différenciation est la plus active.

Parallèlement, on observe dans les mêmes zones une expression des cyclines de type G1 et mitotiques, ainsi que de l'histone H3 spécifique de la phase S.

35 Ceci indique que *CCS52Ms* intervient dans la régulation du cycle cellulaire, probablement d'une



cloné dans pREP1 [YAMAGUSHI et al, Mol. Biol. Cell., 8, pp. 2475-2486, (1997)].

Les transformants de *S. pombe* SP-Q01 sont cultivés dans 2 ml de milieu EMM-thiamine 5  $\mu$ M pendant 5 32 h à 30°C. Les cellules sont lavées 2 fois avec 10 ml d'eau stérile et remises en suspension dans 5 ml de milieu EMM. Les suspensions cellulaires sont divisées en deux moitiés : 2,5 ml sont cultivées avec de la thiamine et 2,5 ml sont cultivées sans thiamine, à 30°C. Des 10 aliquots de cultures sont prélevés après 16 h et 24 h de culture et fixés avec de l'éthanol, colorés avec du DAPI ou de l'iodure de propidium pour une analyse en cytométrie de flux et en microscopie [BEACH et al, Curr. Genet., 10, pp. 297-311, (1985)].

15 En présence de thiamine, l'expression de CCS52Ms est réprimée et on observe une croissance normale.

En l'absence de thiamine, l'expression de CCS52Ms entraîne l'inhibition de la croissance de 20 *S. pombe*, qui s'accompagne d'une endoréplication comme l'illustre la figure 3B, qui montre la présence de noyaux  $\geq 4C$ , qui n'est pas observée dans les cellules contrôles de *S. pombe*, portant le vecteur vide pREP1 (figure 3A).

La morphologie des cellules est également 25 modifiée par l'expression de CCS52Ms. On observe un allongement des cellules et une augmentation de la taille des noyaux, identiques à ceux observés lors de l'expression de SRW1 [YAMAGUSHI et al, Mol. Biol. Cell., 8, pp. 2475-2486, (1997)], tandis qu'aucun changement 30 morphologique n'est observé lorsque *S. pombe* ne porte que le vecteur pREP1.

Chez *S. pombe*, SRW1 est essentiel pour la dégradation de la cycline mitotique CDC13. Pour vérifier si CCS52 agit de la même manière, la quantité de CDC13 a 35 été évaluée dans des cultures d'une souche (SY1) de *S.*

pombe, porteuse d'une délétion dans le gène *srw1*, et ne dégradant pas CDC13.

Les protéines totales obtenues à partir de cultures de SY1 transformées avec pREP1 (témoin) ou avec  
5 pREP1-*ccs52* ont été analysées par transfert de Western, et révélation à l'aide d'anticorps anti-CDC13.

Parallèlement, l'expression de la kinase CDC2 et celle de l' $\alpha$ -tubuline ont respectivement été évaluées par révélation à l'aide d'anticorps anti-PSTAIR et anti  
10  $\alpha$ -tubuline.

Les résultats obtenus montrent une réduction très importante de la CDC13 dans les cellules transformées avec pREP1-*ccs52* par rapport aux cellules témoin. En revanche, il n'y a aucune variation de la CDC2  
15 et de l' $\alpha$ -tubuline.

Ces résultats confirment que CCS52 est un équivalent fonctionnel de SRW1.

#### EXEMPLE 4 : OBTENTION DE PLANTES TRANSGENIQUES TRANSFORMEES PAR LE GENE *CCS52MS*.

##### 20 1° Expression d'un transcrit antisens et son action sur le niveau de ploïdie de *Medicago truncatula*.

Dans un premier temps, le niveau de ploïdie de différents organes de *Medicago truncatula* (plante naturellement diploïde) a été déterminé, par cytométrie  
25 de flux, chez des plantes non-transformées.

La technique utilisée est la suivante :

l'ADN nucléaire des plantes fraîchement récoltées est analysé par cytométrie de flux (EPICS V, Coulter), conformément à la méthode de BROWN et al., (A  
30 *laboratory guide for Cellular and Molecular plant Biology*, 1991, 326-345, ed. Negrutiu et al., Birkhäuser, Basel), modifiée de telle sorte que les noyaux soient colorés avec du DAPI à une concentration finale de 5  $\mu$ g/ml. Le tampon nucléaire I est utilisé à 1% de Triton  
35 X-100 pour les nodosités.

Dans les jeunes pousses, on trouve une quantité d'ADN de 2C à 8C dans la racine et le cotylédon, alors que l'hypocotyle contient également des noyaux à 16C. Chez les plantes adultes, les feuilles sont  
5 diploïdes, contenant 95% de noyaux à 2C et 5% de noyaux à 4C. Dans les pétioles et les nodosités, des noyaux de 2C à 32C ont été détectés. Toutefois, le pétiole contient majoritairement des noyaux à 2C, alors que les nodosités contiennent majoritairement des noyaux à 4C.

10 Un fragment SstI-PvuII de 1,2kb contenant les 3/4 de la séquence codante de *ccs52Ms*, a été placé en orientation antisens sous contrôle du promoteur 35S, dans un vecteur binaire obtenu à partir du vecteur pGPTV-BAR, portant le gène *bar* de résistance à l'herbicide BASTA  
15 comme marqueur de sélection, et des sites de clonage multiple. Cette construction est obtenue en insérant le promoteur 35S dans un fragment HindIII-XbaI (obtenu à partir de pBI121, CLONTECH), dans les sites HindIII-XbaI du vecteur pGPTV-BAR. Le gène *uidA* est ensuite éliminé du  
20 plasmide pGPTV-BAR par digestion XbaI-SstI au niveau du site multiple de clonage.

Pour obtenir la construction antisens de *ccs52Ms*, le fragment SstI-PvuII de 1,2 kb est cloné au niveau des sites SmaI-SstI du vecteur binaire ainsi  
25 obtenu.

Ces plasmides ainsi qu'un plasmide contrôle, contenant le gène *gus* au lieu de la construction *ccs52* antisens ont été introduits dans *Agrobacterium tumefaciens* (EHA105) par électroporation et utilisés pour  
30 transformer *Medicago truncatula* R108-1 selon le protocole décrit par HOFFMANN et al. [Mol. Plant Microbe Interaction, 10, pp. 307-315, (1997)] ; TRINH ET AL. [Plant Cell Reports, 17, pp. 345-355, (1998)].

Le niveau de ploïdie des plantes transgéniques  
35 obtenues a été analysé, comme décrit ci-dessus et le niveau de transcrits endogènes a été évalué par RT-PCR.

Pour discriminer les transcrits endogènes de *ccs52Mt* des transcrits antisens, on utilise pour les transcrits endogènes la paire d'amorces P55CL/P55CR et pour les transcrits antisens, la paire d'amorces P55BL/P55CR.

- 5 P55BL : TTTGGGGGTTGATGATTGTG  
P55CL : CTCTCTACCGTTCTATCTCTTGGA  
P55CR : GGTAAGATGCTACTTTGGTGGTGT

La position de ces amorces est schématisée sur la figure 4.

- 10 La figure 5A montre les résultats d'évaluation de la quantité de transcrits *ccs52Mt* endogènes :
- par RT-PCR (□) dans les lignées transgéniques A1 A3 A4 A7 et A32 et dans les plantes témoin contenant le gène *gus* ( $C_{2n}$ ), et
  - 15 - par transfert de Northern (■) dans les plantes A4 et  $C_{2n}$ .

- Les résultats d'analyse en cytométrie de flux sont illustrés par la figure 5B, pour les pétioles de plantes témoin contenant le gène *gus*, diploïdes ( $C_{2n}$ ) ou
- 20 tétraploïdes ( $C_{4n}$ ), et de plantes de la lignée A4.

- Sur 38 plantes transgéniques régénérées, 3 (A4, A7 et A32) ont montré une endoploïdie significativement réduite, et notamment la plante A4. C'est également dans cette lignée que le niveau d'expression des transcrits
- 25 endogènes de *ccs52Ms* est le plus faible, comme le montre la figure 5B. Le fait qu'une réduction de l'endoploïdie n'ait jamais été observée auparavant chez d'autres plantes transgéniques et ne soit pas observée chez les plantes témoin, permet d'attribuer ce phénomène à
- 30 l'altération de l'expression de *CCS52Ms*, et non à un effet secondaire de la transgénése.

- En outre, la plante A4 produit une quantité de graines significativement inférieure à celle des plantes témoin. D'autre part, elle forme moins de rameaux
- 35 latéraux, et n'a développé que 2 nodules au niveau des

racines, au lieu des 50 nodules en moyenne développés par les plantes témoin cultivées dans les mêmes conditions.

L'impact de la suppression partielle de l'expression de *ccs52* sur le développement des organes de la plante a également été déterminé. Dans ce but, la  
5 la largeur des pétioles a été mesurée et corrélée avec de pourcentages de noyaux endorépliqués ( $>4C$ ), chez la génération T1 issue de la lignée A4 et chez les plantes témoins  $C_{2n}$  et  $C_{4n}$ .

10 Les résultats sont illustrés par la Figure 6. La Figure 6A qui représente la largeur du pétiole en fonction du pourcentage de cellules polyploïdes montre que, chez les plantes témoin  $C_{2n}$  (18 plantes), la largeur des pétioles varie en corrélation avec le nombre de  
15 cellules diploïdes. Dans les plantes issues de A4 (36 plantes), on observe à la fois une variation plus réduite de la taille des pétioles et un pourcentage plus faible de cellules polyploïdes, ce qui indique que le degré d'endoploïdie peut affecter directement la taille  
20 finale des organes végétaux.

12 des 36 plantes T1 issues de A4 contiennent moins de 6% de noyaux endorépliqués ( $>4C$ ) dans leurs pétioles (Figure 6B). Ces plantes [A4(s)] ont été regroupées et analysées séparément du reste des plantes  
25 A4 T1 [A4(w)] qui présentent des altérations phénotypiques moins importantes.

La Figure 6C montre que la largeur des pétioles chez les plantes A4(w) est comparable à celle des plantes témoin diploïdes  $C_{2n}$  ; en revanche, la largeur  
30 des pétioles chez les plantes A4(s) est significativement inférieure à celle des plantes témoin diploïdes  $C_{2n}$ . et la largeur des pétioles chez les plantes témoin tétraploïdes  $C_{4n}$ , est significativement supérieure à celle observée chez les plantes diploïdes.

35 La taille des feuilles (qui ne contiennent pas de cellules endorépliquées et dont l'endoploïdie n'est

donc pas affectée par le niveau d'expression de CCS52) a également été mesurée. Dans ce cas on n'observe aucune différence significative entre les plantes A4(w), A4(s), et les plantes témoin diploïdes C<sub>2n</sub>. en revanche la taille  
5 des feuilles est significativement plus importante chez les plantes témoin tétraploïdes C<sub>4n</sub>.

Ces résultats montrent que l'endoploïdie affecte la taille des organes végétaux, et que la modification de l'expression de CCS52 agit à ce niveau  
10 par l'intermédiaire d'une modification de l'endoploïdie.

**2° Expression de la protéine CCS52Ms dans des plantes transgéniques.**

Des vecteurs d'expression contenant le gène *ccs52Ms* sous contrôle du promoteur 35S, ainsi que des  
15 vecteurs d'expression comprenant le gène *ccs52Ms*, sous contrôle d'un promoteur tissu-spécifique, ont été construits selon le protocole suivant :

Pour l'expression tissu-spécifique de CCS52Ms, l'ADNc est placé sous le contrôle des promoteurs  
20 *enod12AMs* et *Srg1b3* décrits par TRINH et al. [Plant Cell Reports, 17, pp. 345-355, (1998)], en utilisant comme vecteur pISV-BMCS, un dérivé de pISV2301, et, au lieu du promoteur *enod12AMs* complet, seulement un fragment de 0,3 kb de celui-ci, considéré comme suffisant pour une  
25 expression nodosité-spécifique [VIJN et al., Plant Mol. Biol., 28, pp. 1103-1110, (1995)].

Construction de pISV-BMCS : pISV2301 est digéré par HindIII et SstI pour éliminer la séquence du promoteur 2X35S-AMV, qui est remplacé par l'oligonucléotide BMCS  
30 double-brin suivant :

AGCTTCCCGGGGAGCTCTAGACTCGAGCAGCT  
AGGCCCTCGAGATCTGAGCTCG.

Cet oligonucléotide contient les sites SmaI, SstI, XbaI, XhoI.

35 pISV-BMCS12A est construit par clonage dans pISV-BMCS d'un fragment du promoteur *enod12AMs* de 0,3 kb;



obtenu à partir du plasmide pPR89 [BAUER et al., Plant J., 10, pp. 91-105, (1996)] .

pISV-BMCS-LB3 est construit par digestion de pISV-BMCS avec HindIII-SstI et clonage d'un fragment  
5 HindIII-SstI contenant le promoteur leghémoglobine de *Sesbania rostrata* à partir de pLP32 [TRINH et al, Plant Cell Reports, 17, pp. 345-355, (1998)].

Ces vecteurs ont été utilisés pour transformer *Medicago truncatulata* selon le protocole décrit ci-dessus  
10 pour les séquences antisens.

Lors de la régénération des plantes transgéniques, on observe une conversion des cals en embryons significativement plus importante chez les plantes transformées avec les constructions exprimant le  
15 gène *ccs52Ms*, que chez les plantes transformées avec la construction témoin, ce qui indique un effet positif de *CCS52Ms* sur l'embryogénèse somatique..

## REVENDICATIONS

- 1) Protéine végétale à motifs WD40 répétés, caractérisée en ce qu'elle appartient à la sous-famille FZR.
- 5                   2) Protéine selon la revendication 1, caractérisée en ce qu'elle présente au moins 45%, et de préférence au moins 55% d'identité avec le polypeptide de séquence SEQ ID NO:2 ou au moins 60% et de préférence au moins 70 % de similarité avec le polypeptide de séquence
- 10                   SEQ ID NO:2.
- 3) Fragment d'acide nucléique purifié caractérisé en ce qu'il comprend tout ou partie d'une séquence codant pour une protéine selon la revendication 1, ou de sa séquence complémentaire.
- 15                   4) Vecteur recombinant contenant un fragment d'acide nucléique selon la revendication 3.
- 5) Cellule transformée par au moins un fragment d'acide nucléique selon la revendication 3.
- 6) Cellule transformée selon la revendication
- 20                   5, caractérisée en ce qu'il s'agit d'une cellule végétale.
- 7) Plante transgénique transformée par au moins un fragment d'acide nucléique selon la revendication 3.
- 25                   8) Utilisation d'une protéine selon l'une quelconque des revendications 1 ou 2, ou d'une séquence d'acide nucléique selon la revendication 3, pour réguler la différenciation et la prolifération de cellules végétales.
- 30                   9) Utilisation selon la revendication 8, caractérisée en ce que ladite protéine ou ladite séquence d'acide nucléique est utilisée pour favoriser l'endoploïdie dans les cellules d'une plante ou d'un tissu végétal.
- 35                   10) Utilisation selon la revendication 8, caractérisée en ce que ladite protéine ou ladite séquence

d'acide nucléique est utilisée pour favoriser la régénération *in vitro* de plantes à partir de cals en culture.

- 5            11) Utilisation d'une protéine de la sous-famille FZR ou d'une séquence d'acide nucléique codant pour tout ou partie de ladite protéine, ou de sa séquence complémentaire, pour réguler la différenciation et la prolifération de cellules végétales.

1/8

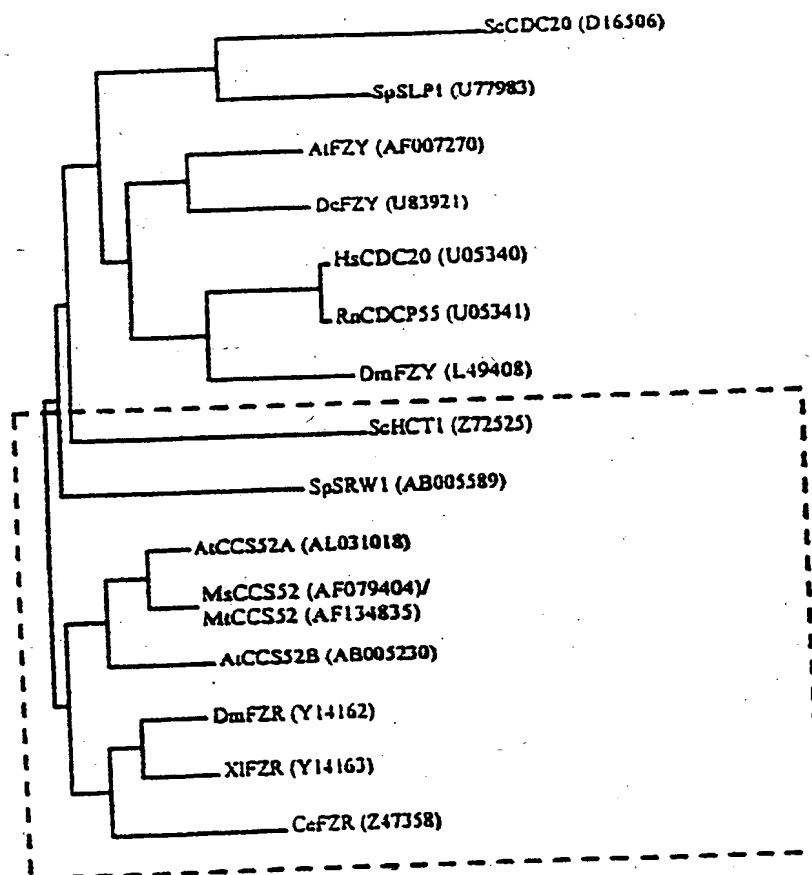


Figure 1A

1	ALFZY	1	MSQPNFVSDQLALIMDQETGPAPRWKAKLEASLHQS	1	SYNTRSV	1	MRATCTVPEHFLPKKLS
1	DMFZY	1	MDOTGNANPPPTSTVRDMSPPPEPSL	1	SHVSA	1	MINSHY
1	MSCC852	1	MANLSPAMNTPVBSLEBRINRLINANQBS	1	QEPSP	1	88L
1	ATCC852A	1	ATCC852B	1	59P	1	59P
1	DMFZR	1	MSPEYOKRILKHYBPVARNLNNFNM	1	ESST	1	TPT
1	SPSRM1	1	MSANTVDS	1	QOQ	1	FEKBP
1	8CHCT1	1	SSPKKAA	1	SSP	1	BRKR
22	ALFZY	22	DRFIPNRS	22	AKDFP	22	ANFAL
81	DMFZY	81	KTPQQQ	81	DRFIPNRA	81	ATNPF
45	MSCC852	45	8RTIY8	45	DRFIPSR8	45	ASKP
37	ATCC852A	37	88IY8	37	DRFIPSR8	37	88IY8
25	ATCC852B	25	8K8TC8	25	DRFIPSR8	25	88IY8
15	DMFZR	15	88IY8	15	DRFIPSR8	15	88IY8
68	SPSRM1	68	PATNEQ	68	DRFIPSRD	68	88IY8
49	8CHCT1	49	PSTVYQ	49	DRFIPSRD	49	88IY8
62	ALFZY	62	DLAVVMNQ	62	NA	62	TRILA
145	DMFZY	145	EVAQVQ	145	DSKQ	145	RILC
93	MSCC852	93	DVAQVQ	93	PKT	93	DSFMT
87	ATCC852A	87	88IY8	87	DRFIPSR8	87	88IY8
76	ATCC852B	76	88IY8	76	DRFIPSR8	76	88IY8
92	DMFZR	92	88IY8	92	DRFIPSR8	92	88IY8
130	SPSRM1	130	88IY8	130	DRFIPSR8	130	88IY8
129	8CHCT1	129	88IY8	129	DRFIPSR8	129	88IY8
97	ALFZY	97	88IY8	97	DRFIPSR8	97	88IY8
185	DMFZY	185	88IY8	185	DRFIPSR8	185	88IY8
138	MSCC852	138	88IY8	138	DRFIPSR8	138	88IY8
126	ATCC852A	126	88IY8	126	DRFIPSR8	126	88IY8
127	ATCC852B	127	88IY8	127	DRFIPSR8	127	88IY8
142	DMFZR	142	88IY8	142	DRFIPSR8	142	88IY8
210	SPSRM1	210	88IY8	210	DRFIPSR8	210	88IY8
209	8CHCT1	209	88IY8	209	DRFIPSR8	209	88IY8

**Figure 1B**

[illegible]

Figure 1C

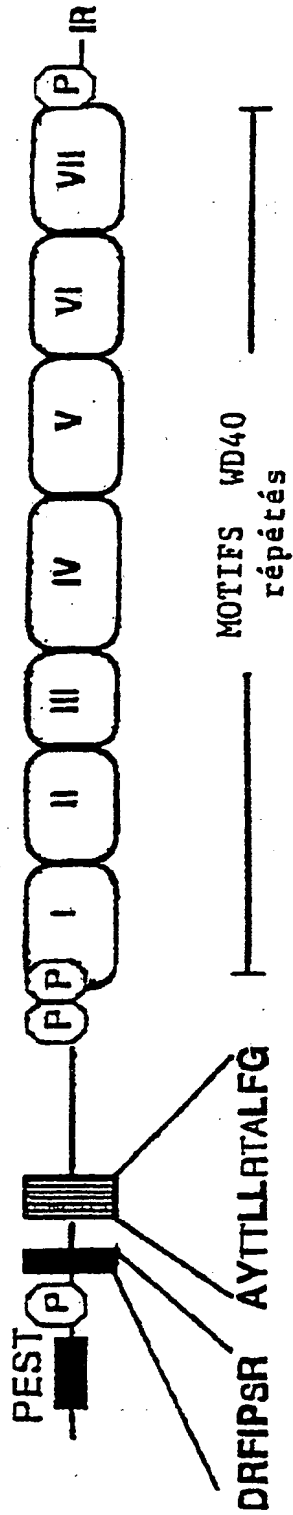


Figure 2

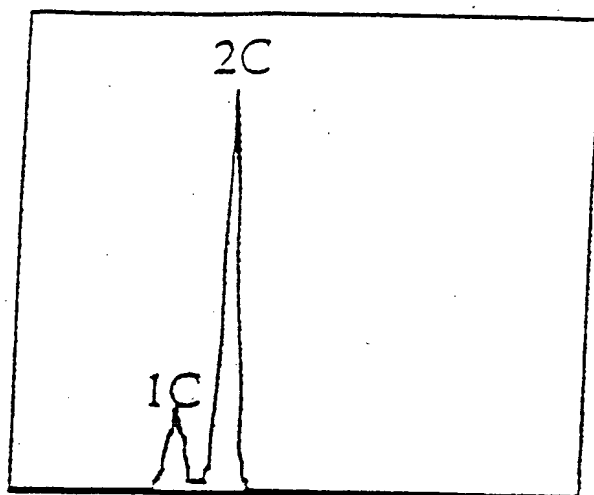


Figure 3A

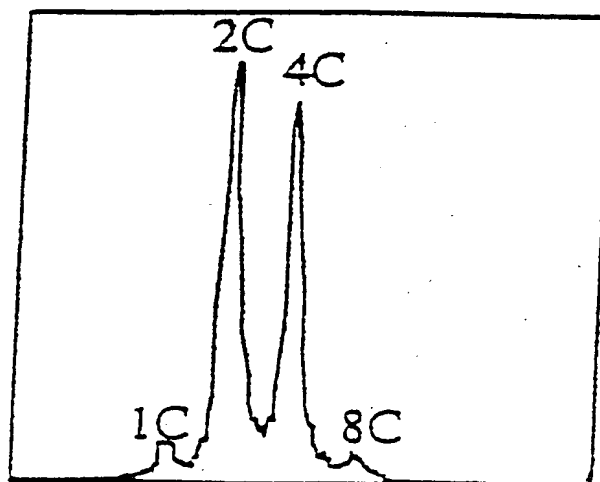


Figure 3B



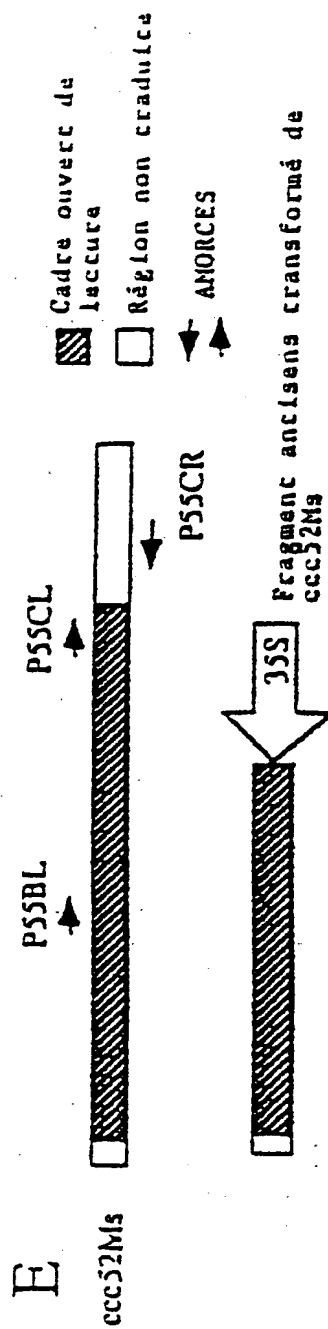
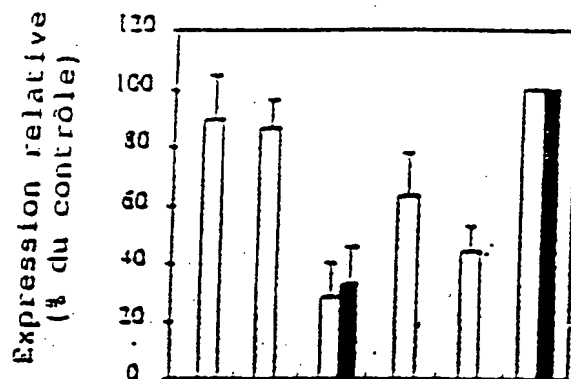


Figure 4



% Noyaux	A1	A3	A4	A7	A32	C <sub>2</sub>
8c	13.6	13.6	1.2	13.3	7.5	15.8
16c	3.8	3.2	0	0.5	0	4.1

Figure 5A

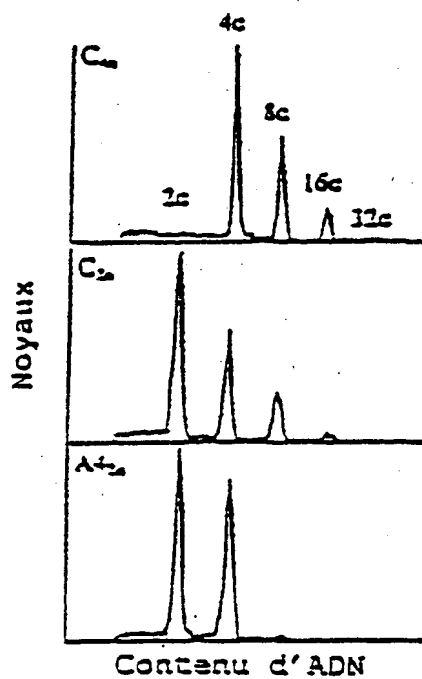


Figure 5B

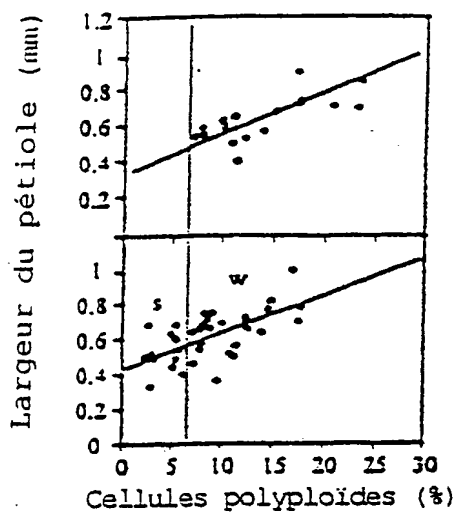


Figure 6A

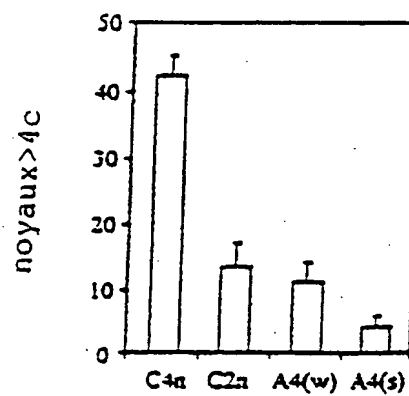


Figure 6B

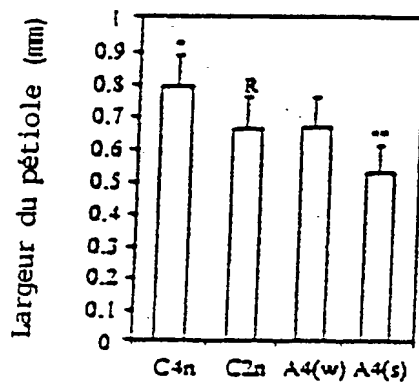


Figure 6C

## LISTE DE SEQUENCES

<110> CNRS  
KONDOROSI, Eva  
CEBOLLA, Angel  
KONDOROSI, Adam

<120> Protéine végétale à motifs WD40 répétés, acide  
nucléique codant pour ladite protéine, et leurs  
applications.

<130> MJPCb644/39

<140>

<141>

<150> FR9807174

<151> 1998-06-08

<160> 2

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 2006

<212> ADN

<213> Medicago sativa

<220>

<221> CDS

<222> (182)..(1609)

<400> 1

```

gattcggcac gaggaagaaa caaagaaact ctctctctct atttctttct ctctgcacaa 60
ttttcgagta gtgttatttt ttaataaaaa attaattaat ttttttttat ataaaagccg 120
tgcaaaaaat tcttttacag cgttcttttt tccccgggaa aaaaattaac acagctccgc 180
c atg gac gga acc ggt aat cga aat cca cca ccg act tcc acc gtc aga 229
Met Asp Gly Thr Gly Asn Arg Asn Pro Pro Thr Ser Thr Val Arg
  1          5          10          15

gac aat tct cca ccg cct gag cca tca ccg gag agt ctc cgt cat gta 277
Asp Asn Ser Pro Pro Pro Glu Pro Ser Pro Glu Ser Leu Arg His Val
      20          25          30

agc cgt atg atc aac agc aac cat tac acc tca cct tct cga aca atc 325
Ser Arg Met Ile Asn Ser Asn His Tyr Thr Ser Pro Ser Arg Thr Ile
      35          40          45

tac tcc gat agg ttc att ccg agt aga tct gct tcg aaa ttc gct ttg 373
Tyr Ser Asp Arg Phe Ile Pro Ser Arg Ser Ala Ser Lys Phe Ala Leu
      50          55          60

ttt gat atc aat act ccg aca gaa gga cgc gat gat agt tcc agc gct 421
Phe Asp Ile Asn Thr Pro Thr Glu Gly Arg Asp Asp Ser Ser Ser Ala
      65          70          75          80

```

tat acg act ctt ctg aga acg gcg ttg ttt gga ccg gat gtt gcc ggt	469
Tyr Thr Thr Leu Leu Arg Thr Ala Leu Phe Gly Pro Asp Val Ala Gly	
85 90 95	
ccg gtt acg ccg gaa aaa acc gac tcg ccg tcg atg aca ttg ccg aat	517
Pro Val Thr Pro Glu Lys Thr Asp Ser Pro Ser Met Thr Leu Pro Asn	
100 105 110	
agg aat att ttt agg tat aag acg gag acg aga cag tcc atg cac tcg	565
Arg Asn Ile Phe Arg Tyr Lys Thr Glu Thr Arg Gln Ser Met His Ser	
115 120 125	
ctt tcg ccg ttt atg gat gat gat ttt gtt cct ggt gtt aat cat agt	613
Leu Ser Pro Phe Met Asp Asp Asp Phe Val Pro Gly Val Asn His Ser	
130 135 140	
ccg gtt aag gct cct agg aag gtt cct cga tcg cct tat aag gtt ttg	661
Pro Val Lys Ala Pro Arg Lys Val Pro Arg Ser Pro Tyr Lys Val Leu	
145 150 155 160	
gat gca cct gct ttg caa gat gat ttt tat ctg aat ctg gta gat tgg	709
Asp Ala Pro Ala Leu Gln Asp Asp Phe Tyr Leu Asn Leu Val Asp Trp	
165 170 175	
tct tca cac aat gtg ttg gct gtt ggt ttg ggt aac tgt gtc tat ctc	757
Ser Ser His Asn Val Leu Ala Val Gly Leu Gly Asn Cys Val Tyr Leu	
180 185 190	
tgg aat gct tgt agc agc aag gta act aaa tta tgt gat ttg ggg gtt	805
Trp Asn Ala Cys Ser Ser Lys Val Thr Lys Leu Cys Asp Leu Gly Val	
195 200 205	
gat gat tgt gtt tgt tct gtt ggt tgg gct caa cgt ggt act cat ctt	853
Asp Asp Cys Val Cys Ser Val Gly Trp Ala Gln Arg Gly Thr His Leu	
210 215 220	
gct gtt gga act aac aat ggt aaa gtt cag att tgg gat gca gca aga	901
Ala Val Gly Thr Asn Asn Gly Lys Val Gln Ile Trp Asp Ala Ala Arg	
225 230 235 240	
tgc aag aag ata aga tca atg gag ggc cat cgg tta cgt gtc ggg gcc	949
Cys Lys Lys Ile Arg Ser Met Glu Gly His Arg Leu Arg Val Gly Ala	
245 250 255	
ttg gcc tgg agt tca tct ctt ttg tct tct ggt gga cgg gat aag aat	997
Leu Ala Trp Ser Ser Ser Leu Leu Ser Ser Gly Gly Arg Asp Lys Asn	
260 265 270	
att tat caa cga gat ata cgc aca caa gaa gat ttt gtt agt aaa ctg	1045
Ile Tyr Gln Arg Asp Ile Arg Thr Gln Glu Asp Phe Val Ser Lys Leu	
275 280 285	
tca gga cac aaa tca gag gtt tgt gga ctg aag tgg tca tat gat aac	1093
Ser Gly His Lys Ser Glu Val Cys Gly Leu Lys Trp Ser Tyr Asp Asn	
290 295 300	
cgt gag ttg gca tct gga gga aat gac aac aaa ttg ttt gtt tgg aat	1141
Arg Glu Leu Ala Ser Gly Gly Asn Asp Asn Lys Leu Phe Val Trp Asn	
305 310 315 320	

caa cac tca acc cag cct gtc ctc aag tac tgt gag cac aca gca gct 1189  
 Gln His Ser Thr Gln Pro Val Leu Lys Tyr Cys Glu His Thr Ala Ala  
 325 330 335

gtt aaa gct att gca tgg tct cct cat ctt cat gga ctt ctt gca tct 1237  
 Val Lys Ala Ile Ala Trp Ser Pro His Leu His Gly Leu Leu Ala Ser  
 340 345 350

gga gga gga act gca gat aga tgt att cgt ttt tgg aat aca acc aca 1285  
 Gly Gly Gly Thr Ala Asp Arg Cys Ile Arg Phe Trp Asn Thr Thr Thr  
 355 360 365

aac tca cac ctt agc tgt atg gac act gga agt cag gtt tgc aat ctt 1333  
 Asn Ser His Leu Ser Cys Met Asp Thr Gly Ser Gln Val Cys Asn Leu  
 370 375 380

gtc tgg tcc aaa aat gtc aac gaa cta gta agc aca cat ggg tac tcc 1381  
 Val Trp Ser Lys Asn Val Asn Glu Leu Val Ser Thr His Gly Tyr Ser  
 385 390 395 400

cag aac cag att att gtt tgg aga tac ccc act atg tca aag ctg gcg 1429  
 Gln Asn Gln Ile Ile Val Trp Arg Tyr Pro Thr Met Ser Lys Leu Ala  
 405 410 415

act ctt acc ggc cat act tat agg gtt ctc tat ctt gcc atc tct cca 1477  
 Thr Leu Thr Gly His Thr Tyr Arg Val Leu Tyr Leu Ala Ile Ser Pro  
 420 425 430

gat gga cag act att gta act gga gct gga gat gaa acg ctt agg ttc 1525  
 Asp Gly Gln Thr Ile Val Thr Gly Ala Gly Asp Glu Thr Leu Arg Phe  
 435 440 445

tgg aat gtt ttc cct tcc cct aaa tca cag aat act gaa agt gaa atc 1573  
 Trp Asn Val Phe Pro Ser Pro Lys Ser Gln Asn Thr Glu Ser Glu Ile  
 450 455 460

gga gca tta tct ctt gga aga act act atc agg tga ttgatcctgg 1619  
 Gly Ala Leu Ser Leu Gly Arg Thr Thr Ile Arg  
 465 470 475

cgttgcagcc caatcatgtg gcatatttct aagtttgggt tgctgtgtag aactaaattt 1679  
 ctgagcggag aacaccatgg tggaaaaacc ttgaatataa aaacaccacc aaagtagcat 1739  
 ctttaccaac tgggagagcc ttggaggagg ctataaaagt ttgatatgg ctgccggtga 1799  
 tattcctgca ttcattgtga gtctcatttt atattgaaaa gatgataaca aatgggtaat 1859  
 ttattgtctt ggacttatac atgcattgat ggagtgttag ccaagttttt ttattactct 1919  
 ttttttcttt cttctttttg atagtgtctt cctgcattat ttatataatt ttaagatgcg 1979  
 ttaacagaga aaaaaaaaaa aaaaaaa 2006

<210> 2  
 <211> 475  
 <212> PRT  
 <213> Medicago sativa

<400> 2

WO 99/64451

PCT/FR99/01342

Met Asp Gly Thr Gly Asn Arg Asn Pro Pro Pro Thr Ser Thr Val Arg  
 1 5 10 15

Asp Asn Ser Pro Pro Pro Glu Pro Ser Pro Glu Ser Leu Arg His Val  
 20 25 30

Ser Arg Met Ile Asn Ser Asn His Tyr Thr Ser Pro Ser Arg Thr Ile  
 35 40 45

Tyr Ser Asp Arg Phe Ile Pro Ser Arg Ser Ala Ser Lys Phe Ala Leu  
 50 55 60

Phe Asp Ile Asn Thr Pro Thr Glu Gly Arg Asp Asp Ser Ser Ser Ala  
 65 70 75 80

Tyr Thr Thr Leu Leu Arg Thr Ala Leu Phe Gly Pro Asp Val Ala Gly  
 85 90 95

Pro Val Thr Pro Glu Lys Thr Asp Ser Pro Ser Met Thr Leu Pro Asn  
 100 105 110

Arg Asn Ile Phe Arg Tyr Lys Thr Glu Thr Arg Gln Ser Met His Ser  
 115 120 125

Leu Ser Pro Phe Met Asp Asp Asp Phe Val Pro Gly Val Asn His Ser  
 130 135 140

Pro Val Lys Ala Pro Arg Lys Val Pro Arg Ser Pro Tyr Lys Val Leu  
 145 150 155 160

Asp Ala Pro Ala Leu Gln Asp Asp Phe Tyr Leu Asn Leu Val Asp Trp  
 165 170 175

Ser Ser His Asn Val Leu Ala Val Gly Leu Gly Asn Cys Val Tyr Leu  
 180 185 190

Trp Asn Ala Cys Ser Ser Lys Val Thr Lys Leu Cys Asp Leu Gly Val  
 195 200 205

Asp Asp Cys Val Cys Ser Val Gly Trp Ala Gln Arg Gly Thr His Leu  
 210 215 220

Ala Val Gly Thr Asn Asn Gly Lys Val Gln Ile Trp Asp Ala Ala Arg  
 225 230 235 240

Cys Lys Lys Ile Arg Ser Met Glu Gly His Arg Leu Arg Val Gly Ala  
 245 250 255

Leu Ala Trp Ser Ser Ser Leu Leu Ser Ser Gly Gly Arg Asp Lys Asn  
 260 265 270

Ile Tyr Gln Arg Asp Ile Arg Thr Gln Glu Asp Phe Val Ser Lys Leu  
 275 280 285

Ser Gly His Lys Ser Glu Val Cys Gly Leu Lys Trp Ser Tyr Asp Asn  
 290 295 300

Arg Glu Leu Ala Ser Gly Gly Asn Asp Asn Lys Leu Phe Val Trp Asn  
 305 310 315 320

Gln His Ser Thr Gln Pro Val Leu Lys Tyr Cys Glu His Thr Ala Ala  
 325 330 335  
 Val Lys Ala Ile Ala Trp Ser Pro His Leu His Gly Leu Leu Ala Ser  
 340 345 350  
 Gly Gly Gly Thr Ala Asp Arg Cys Ile Arg Phe Trp Asn Thr Thr Thr  
 355 360 365  
 Asn Ser His Leu Ser Cys Met Asp Thr Gly Ser Gln Val Cys Asn Leu  
 370 375 380  
 Val Trp Ser Lys Asn Val Asn Glu Leu Val Ser Thr His Gly Tyr Ser  
 385 390 395 400  
 Gln Asn Gln Ile Ile Val Trp Arg Tyr Pro Thr Met Ser Lys Leu Ala  
 405 410 415  
 Thr Leu Thr Gly His Thr Tyr Arg Val Leu Tyr Leu Ala Ile Ser Pro  
 420 425 430  
 Asp Gly Gln Thr Ile Val Thr Gly Ala Gly Asp Glu Thr Leu Arg Phe  
 435 440 445  
 Trp Asn Val Phe Pro Ser Pro Lys Ser Gln Asn Thr Glu Ser Glu Ile  
 450 455 460  
 Gly Ala Leu Ser Leu Gly Arg Thr Thr Ile Arg  
 465 470 475





## DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITE DE COOPERATION EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

<p>(51) Classification internationale des brevets <sup>6</sup> : C07K 14/415, C12N 15/29, 15/82, 5/10, A01H 5/00</p>	<p>A3</p>	<p>(11) Numéro de publication internationale: <b>WO 99/64451</b> (43) Date de publication internationale: 16 décembre 1999 (16.12.99)</p>
<p>(21) Numéro de la demande internationale: PCT/FR99/01342 (22) Date de dépôt international: 8 juin 1999 (08.06.99) (30) Données relatives à la priorité: 98/07174 8 juin 1998 (08.06.98) FR (71) Déposant (pour tous les Etats désignés sauf US): CENTRE NATIONAL DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE (CNRS) [FR/FR]; 3, rue Michel-Ange, F-75794 Paris Cedex 16 (FR). (72) Inventeurs; et (75) Inventeurs/Déposants (US seulement): KONDOROSI, Eva [HU/FR]; 10, allée de la Dame Alips, F-91190 Gif sur Yvette (FR). CEBOLLA, Angel [ES/FR]; 15, rue Juliette Adam, F-91190 Gif sur Yvette (FR). KONDOROSI, Adam [HU/FR]; 10, allée de la Dame Alips, F-91190 Gif sur Yvette (FR). (74) Mandataires: VIALLE-PRESLES, Marie-José etc.; Cabinet Ores, 6, avenue de Messine, F-75008 Paris (FR).</p>		<p>(81) Etats désignés: AE, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, CA, CH, CN, CU, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MD, MG, MK, MN, MW, MX, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW, brevet ARIPO (GH, GM, KE, LS, MW, SD, SL, SZ, UG, ZW), brevet eurasien (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), brevet européen (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE), brevet OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).</p> <p><b>Publiée</b> <i>Avec rapport de recherche internationale.</i> <i>Avant l'expiration du délai prévu pour la modification des revendications, sera republiée si de telles modifications sont reçues.</i></p> <p>(88) Date de publication du rapport de recherche internationale: 17 février 2000 (17.02.00)</p>
<p>(54) Title: PLANT PROTEIN WITH REPEATED WD40 MOTIFS, NUCLEIC ACID CODING FOR SAID PROTEIN, AND USES THEREOF (54) Titre: PROTEINE VEGETALE A MOTIFS WD40 REPETES, ACIDE NUCLEIQUE CODANT POUR LADITE PROTEINE, ET LEURS APPLICATIONS (57) Abstract The invention concerns a plant protein with repeated WD40 motifs, characterised in that it belongs to the FZR sub-family, a purified nucleic acid fragment characterised in that it comprises all or part of a sequence coding for said plant protein and the uses of said protein and said nucleic acid fragment. (57) Abrégé Protéine végétale à motifs WD40 répétés, caractérisée en ce qu'elle appartient à la sous-famille FZR; fragment d'acide nucléique purifié caractérisé en ce qu'il comprend tout ou partie d'une séquence codant pour ladite protéine végétale; utilisations de ladite protéine et dudit fragment d'acide nucléique.</p>		

### UNIQUEMENT A TITRE D'INFORMATION

Codes utilisés pour identifier les Etats parties au PCT, sur les pages de couverture des brochures publiant des demandes internationales en vertu du PCT.

AL	Albanie	ES	Espagne	LS	Lesotho	SI	Slovénie
AM	Arménie	FI	Finlande	LT	Lituanie	SK	Slovaquie
AT	Autriche	FR	France	LU	Luxembourg	SN	Sénégal
AU	Australie	GA	Gabon	LV	Lettonie	SZ	Swaziland
AZ	Azerbaïdjan	GB	Royaume-Uni	MC	Monaco	TD	Tchad
BA	Bosnie-Herzégovine	GE	Géorgie	MD	République de Moldova	TG	Togo
BB	Barbade	GH	Ghana	MG	Madagascar	TJ	Tadjikistan
BE	Belgique	GN	Guinée	MK	Ex-République yougoslave de Macédoine	TM	Turkménistan
BF	Burkina Faso	GR	Grèce			TR	Turquie
BG	Bulgarie	HU	Hongrie	ML	Mali	TT	Trinité-et-Tobago
BJ	Bénin	IE	Irlande	MN	Mongolie	UA	Ukraine
BR	Brésil	IL	Israël	MR	Mauritanie	UG	Ouganda
BY	Bélarus	IS	Islande	MW	Malawi	US	Etats-Unis d'Amérique
CA	Canada	IT	Italie	MX	Mexique	UZ	Ouzbékistan
CF	République centrafricaine	JP	Japon	NE	Niger	VN	Viet Nam
CG	Congo	KE	Kenya	NL	Pays-Bas	YU	Yougoslavie
CH	Suisse	KG	Kirghizistan	NO	Norvège	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	République populaire démocratique de Corée	NZ	Nouvelle-Zélande		
CM	Cameroun			PL	Pologne		
CN	Chine	KR	République de Corée	PT	Portugal		
CU	Cuba	KZ	Kazakstan	RO	Roumanie		
CZ	République tchèque	LC	Sainte-Lucie	RU	Fédération de Russie		
DE	Allemagne	LI	Liechtenstein	SD	Soudan		
DK	Danemark	LK	Sri Lanka	SE	Suède		
EE	Estonie	LR	Libéria	SG	Singapour		

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Inte. onal Application No

PCT/FR 99/01342

## A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6 C07K14/415 C12N15/29 C12N15/82 C12N5/10 A01H5/00

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

## B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C12N

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

## C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	M. LUO ET AL.,: "Cloning and characterisation of a carrot cDNA coding for a WD repeat protein homologous to Drosophila fizzy, human p55CDC and yeast CDC20 proteins" PLANT MOLECULAR BIOLOGY, vol. 34, no. 2, 1 May 1997 (1997-05-01), pages 325-330, XP002094573 cited in the application the whole document	1,2
X	--- DATABASE EMBL NUCLEOTIDE AND PROTEIN SEQUENCES, - 1 July 1997 (1997-07-01) XP002094591 HINXTON, GB AC= 004634. Arabidopsis thaliana, similarity to beta transducins. abstract --- -/--	1

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☒ Patent family members are listed in annex.

Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

"Z" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

9 December 1999

Date of mailing of the international search report

22/12/1999

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2  
NL - 2280 HV Rijswijk  
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Mateo Rosell, A.M.

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/FR 99/01342

## C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	WO 95 21917 A (AMGEN INC ;UNIV CALIFORNIA (US)) 17 August 1995 (1995-08-17)	2
A	page 11-19; examples 1,2 page 51-60 ---	1-11
A	WO 98 03631 A (SALK INST FOR BIOLOGICAL STUDI) 29 January 1998 (1998-01-29) page 2, line 1-18; example 1 ---	1-11
A	MCKHANN H ET AL.: "Cloning of a WD-repeat-containing gene from alfalfa (Medicago sativa): A role in hormone-mediated cell division?" PLANT MOLECULAR BIOLOGY, vol. 34, no. 5, 1997, pages 771-780, XP000857490 the whole document ---	1,3-10
A	S.J. SIGRIST AND C.F. LEHNER: "Drosophila fizzy-related down-regulates mytotic cyclins and is required for cell proliferation arrest and entry into endocycles" CELL, vol. 90, 1997, pages 671-681, XP002094574 cited in the application see the whole document in particular figure 1 : EMBL AC= Y14162 Drosophila cDNA and AC= Y14163 Xenopus cDNA. ---	2
A	S. YAMAGUCHI ET AL.: "A WD repeat protein controls the cell cycle and differentiation by negatively regulating Cdc2/B-type cyclin complexes." MOLECULAR BIOLOGY OF THE CELL, vol. 8, no. 12, 1997, pages 2475-2486, XP002094575 cited in the application see the whole document in particular figure 2 ---	2
A	M. SCHWAB ET AL.: "Yeast Hct1 is a regulator of Clb2 cyclin proteolysis" CELL, vol. 90, 1997, pages 683-693, XP002094576 cited in the application see the whole document in particular figure 1 --- -/--	1

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/FR. 99/01342

## C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No
A	NEER E J ET AL: "The ancient regulatory-protein family of WD-repeat proteins" NATURE, vol. 371, 22 September 1994 (1994-09-22). pages 297-300, XP002082119 cited in the application the whole document ---	1
A	PATTON E E ET AL: "Combinatorial control in ubiquitin-dependent proteolysis: don't Skp the F-box hypothesis" TRENDS IN GENETICS, vol. 14, no. 6, 1 June 1998 (1998-06-01), page 236-243 XP004121083 ---	1
A	HILT W ET AL: "Proteasomes: destruction as a programme" TIBS TRENDS IN BIOCHEMICAL SCIENCES, vol. 21, no. 3, March 1996 (1996-03), page 96-102 XP004050935 see the whole document in particular pages 99-100 ---	1
A	BAI C ET AL: "SKP1 connects cell cycle regulators to the ubiquitin proteolysis machinery through a novel motif, the F-box" CELL, vol. 86, no. 2, 26 July 1996 (1996-07-26), pages 263-274, XP002082118 ---	1
P,X	DATABASE EMBL NUCLEOTIDE AND PROTEIN SEQUENCES, - 28 September 1998 (1998-09-28) XP002094577 HINXTON, GB AC= AJ224078. Brassica napus mRNA with similarity to p55cdc and fizzy genes. abstract ---	1,2
P,X	DATABASE EMBL NUCLEOTIDE AND PROTEIN SEQUENCES, 6 April 1999 (1999-04-06), XP002125115 HINXTON, GB AC = AF079404. Medicago sativa subsp. X varia cell cycle switch protein (ccs52) mRNA, complete cds. abstract --- -/--	1-11

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/FR 99/01342

## C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
T	<p>CEBOLLA A ET AL., : "The mitotic inhibitor ccs52 is required for endoreduplication and ploidy-dependent cell enlargement in plants"</p> <p>EMBO, vol. 18, no. 16, August 1999 (1999-08), pages 4476-4484, XP002125116</p> <p>the whole document</p> <p>-----</p>	1-11

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/FR 99/01342

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
W0 9521917 A	17-08-1995	AT 167518 T	15-07-1998
		AU 700350 B	07-01-1999
		AU 1875695 A	29-08-1995
		CA 2183254 A	17-08-1995
		DE 69503038 D	23-07-1998
		DE 69503038 T	25-03-1999
		EP 0745124 A	04-12-1996
		ES 2117855 T	16-08-1998
		GR 3027621 T	30-11-1998
		JP 9504959 T	20-05-1997
W0 9803631 A	29-01-1998	AU 3960597 A	10-02-1998
		CA 2260287 A	29-01-1998
		EP 0929663 A	21-07-1999

# RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Der. e internationale No  
PCT/FR 99/01342

A. CLASSEMENT DE L'OBJET DE LA DEMANDE CIB 6 C07K14/415 C12N15/29 C12N15/82 C12N5/10 A01H5/00		
Selon la classification internationale des brevets (CIB) ou a la fois selon la classification nationale et la CIB		
B. DOMAINES SUR LESQUELS LA RECHERCHE A PORTE		
Documentation minimale consultée (système de classification suivi des symboles de classement) CIB 6 C12N		
Documentation consultée autre que la documentation minimale dans la mesure où ces documents relèvent des domaines sur lesquels a porté la recherche		
Base de données électronique consultée au cours de la recherche internationale (nom de la base de données, et si réalisable, termes de recherche utilisés)		
C. DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		
Categorie	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	M. LUO ET AL.,: "Cloning and characterisation of a carrot cDNA coding for a WD repeat protein homologous to Drosophila fizzy, human p55CDC and yeast CDC20 proteins" PLANT MOLECULAR BIOLOGY, vol. 34, no. 2, 1 mai 1997 (1997-05-01), pages 325-330, XP002094573 cité dans la demande le document en entier	1,2
X	--- DATABASE EMBL NUCLEOTIDE AND PROTEIN SEQUENCES, - 1 juillet 1997 (1997-07-01) XP002094591 HINXTON, GB AC= 004634. Arabidopsis thaliana, similarity to beta transducins. abrégé --- -/-	1
<input checked="" type="checkbox"/> Voir la suite du cadre C pour la fin de la liste des documents <input checked="" type="checkbox"/> Les documents de familles de brevets sont indiqués en annexe		
* Catégories spéciales de documents cités: "A" document définissant l'état général de la technique, non considéré comme particulièrement pertinent "E" document antérieur, mais publié à la date de dépôt international ou après cette date "L" document pouvant jeter un doute sur une revendication de priorité ou cité pour déterminer la date de publication d'une autre citation ou pour une raison spéciale (telle qu'indiquée) "O" document se référant à une divulgation orale, à un usage, à une exposition ou tous autres moyens "P" document publié avant la date de dépôt international, mais postérieurement à la date de priorité revendiquée "T" document ultérieur publié après la date de dépôt international ou la date de priorité et n'appartenant pas à l'état de la technique pertinent, mais cité pour comprendre le principe ou la théorie constituant la base de l'invention "X" document particulièrement pertinent: l'invention revendiquée ne peut être considérée comme nouvelle ou comme impliquant une activité inventive par rapport au document considéré isolément "Y" document particulièrement pertinent: l'invention revendiquée ne peut être considérée comme impliquant une activité inventive lorsque le document est associé à un ou plusieurs autres documents de même nature, cette combinaison étant évidente pour une personne du métier "&" document qui fait partie de la même famille de brevets		
Date à laquelle la recherche internationale a été effectivement achevée  9 décembre 1999		Date d'expédition du présent rapport de recherche internationale  22/12/1999
Nom et adresse postale de l'administration chargée de la recherche internationale Office Européen des Brevets, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel: (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl. Fax: (+31-70) 340-3016		Fonctionnaire autorisé  Mateo Rosell, A.M.



# RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Den = Internationale No

PCT/FR 99/01342

## C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS

Catégorie	Identification des documents cités, avec le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	WO 95 21917 A (AMGEN INC ; UNIV CALIFORNIA (US)) 17 août 1995 (1995-08-17)	2
A	page 11-19; exemples 1,2 page 51-60 ---	1-11
A	WO 98 03631 A (SALK INST FOR BIOLOGICAL STUDI) 29 janvier 1998 (1998-01-29) page 2, ligne 1-18; exemple 1 ---	1-11
A	MCKHANN H ET AL.,: "Cloning of a WD-repeat-containing gene from alfalfa (Medicago sativa): A role in hormone-mediated cell division?" PLANT MOLECULAR BIOLOGY, vol. 34, no. 5, 1997, pages 771-780, XP000857490 le document en entier ---	1,3-10
A	S.J. SIGRIST AND C.F. LEHNER: "Drosophila fizzy-related down-regulates mytotic cyclins and is required for cell proliferation arrest and entry into endocycles" CELL, vol. 90, 1997, pages 671-681, XP002094574 cité dans la demande le document en entier et tout particulièrement figure 1 : EMBL AC= Y14162 Drosophila cDNA and AC= Y14163 Xenopus cDNA. ---	2
A	S. YAMAGUCHI ET AL.,: "A WD repeat protein controls the cell cycle and differentiation by negatively regulating Cdc2/B-type cyclin complexes." MOLECULAR BIOLOGY OF THE CELL, vol. 8, no. 12, 1997, pages 2475-2486, XP002094575 cité dans la demande voir le document en entier et tout particulièrement Fig 2 ---	2
A	M. SCHWAB ET AL.,: "Yeast Hct1 is a regulator of Clb2 cyclin proteolysis" CELL, vol. 90, 1997, pages 683-693, XP002094576 cité dans la demande voir le document en entier et tout particulièrement figure 1 ---	1
	-/--	

# RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Der e internationale No  
PCT./FR 99/01342

C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		
Catégorie	Identification des documents cités, avec le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
A	NEER E J ET AL: "The ancient regulatory-protein family of WD-repeat proteins" NATURE, vol. 371, 22 septembre 1994 (1994-09-22), pages 297-300, XP002082119 cité dans la demande le document en entier ---	1
A	PATTON E E ET AL: "Combinatorial control in ubiquitin-dependent proteolysis: don't Skp the F-box hypothesis" TRENDS IN GENETICS, vol. 14, no. 6, 1 juin 1998 (1998-06-01), page 236-243 XP004121083 ---	1
A	HILT W ET AL: "Proteasomes: destruction as a programme" TIBS TRENDS IN BIOCHEMICAL SCIENCES, vol. 21, no. 3, mars 1996 (1996-03), page 96-102 XP004050935 voir document en entier et tout en particulier page 99-100 ---	1
A	BAI C ET AL: "SKP1 connects cell cycle regulators to the ubiquitin proteolysis machinery through a novel motif, the F-box" CELL, vol. 86, no. 2, 26 juillet 1996 (1996-07-26), pages 263-274, XP002082118 ---	1
P,X	DATABASE EMBL NUCLEOTIDE AND PROTEIN SEQUENCES, - 28 septembre 1998 (1998-09-28) XP002094577 HINXTON, GB AC= AJ224078. Brassica napus mRNA with similarity to p55cdc and fizzy genes. abrégé ---	1,2
P,X	DATABASE EMBL NUCLEOTIDE AND PROTEIN SEQUENCES, 6 avril 1999 (1999-04-06), XP002125115 HINXTON, GB AC = AF079404. Medicago sativa subsp. X varia cell cycle switch protein (ccs52) mRNA, complete cds. abrégé --- -/--	1-11

# RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Renseignements relatifs aux membres de familles de brevets

Derrière Internationale No

PCT/FR 99/01342

Document brevet cité au rapport de recherche	Date de publication	Membre(s) de la famille de brevet(s)	Date de publication
WO 9521917 A	17-08-1995	AT 167518 T	15-07-1998
		AU 700350 B	07-01-1999
		AU 1875695 A	29-08-1995
		CA 2183254 A	17-08-1995
		DE 69503038 D	23-07-1998
		DE 69503038 T	25-03-1999
		EP 0745124 A	04-12-1996
		ES 2117855 T	16-08-1998
		GR 3027621 T	30-11-1998
		JP 9504959 T	20-05-1997
WO 9803631 A	29-01-1998	AU 3960597 A	10-02-1998
		CA 2260287 A	29-01-1998
		EP 0929663 A	21-07-1999

# RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Der. e internationale No

PCT/FR 99/01342

## C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS

Catégorie	Identification des documents cités, avec le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
T	<p>CEBOLLA A ET AL., : "The mitotic inhibitor ccs52 is required for endoreduplication and ploidy-dependent cell enlargement in plants"  EMBO,  vol. 18, no. 16, août 1999 (1999-08),  pages 4476-4484, XP002125116  le document en entier  -----</p>	1-11

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning  
Operations and is not part of the Official Record.**

**BEST AVAILABLE IMAGES**

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☐ **BLACK BORDERS**
- ☐ **IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- ☐ **FADED TEXT OR DRAWING**
- ☐ **BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- ☐ **SKEWED/SLANTED IMAGES**
- ☒ **COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- ☐ **GRAY SCALE DOCUMENTS**
- ☒ **LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- ☐ **REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- ☐ **OTHER:** \_\_\_\_\_

**IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.**

**As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.**